Journal of Horticultural Science
https://jhs.um.ac.ir

Research Article
Vol. 37, No. 4, Winter 2024, p. 997-1011

Study of Diversity of Breeding Cucumber Lines through Factor and Cluster Analysis

A. Mirhosseyni[1], M. Hassanpour Asil[2*], J.A. Olfati[3], M.B. Farhangi[4]

1, 2 and 3- Ph.D. Student, Professor and Associate Professor, Department of Horticultural Sciences, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran, respectively.
(*- Corresponding Author Email: hassanpurm@guilan.ac.ir)
4- Assistant Professor, Department of Soil Sciences, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran

Received: 11-12-2022 Revised: 01-06-2023 Accepted: 18-06-2023 Available Online: 19-06-2023	**How to cite this article:** Mirhosseyni, A., Hassanpour Asil, M., Olfati, J.A., & Farhangi, M.B. (2024). Study of diversity of breeding cucumber lines through factor and cluster analysis. *Journal of Horticultural Science, 37*(4), 997-1011. (In Persian with English abstract). https://doi.org/10.22067/jhs.2023.79997.1214

Introduction

Cucumber (*Cucumis sativus* L.) is an annual plant in the Cucurbitaceae family, which has 90 genera and 750 species. Iran, with an under-cultivation area of 89,632 hectares and a production rate of 1,804,184 tons of cucumbers, yield of 201,289 tons per hectare, and it is the third largest cucumber producing country in the world in terms of production. Use of fruits of these vegetable is different depending on the country and the consumer's taste and demand, and it is cultivated for fresh consumption as well as processing (pickled vegetables or cucumbers). The utilization of local genotypes or unmodified native reserves for production has led to very low yield of cucumbers in some countries of the world. The general objectives of cucumber breeding are resistance to diseases and pests, fruit quality and yield increase. Considering the history of cultivation of this product in Iran and due to the large under-cultivation areas of cucumber in the country, little breeding research has been done on this product and the country's required seeds are supplied annually through imports. Therefore, practical and applied research on the breeding of cucumber plant seems necessary. The present study was conducted to evaluate 27 cucumber plant lines using factor analysis and cluster analysis as a tool to identify superior genotypes and more effective traits.

Materials and Methods

This study was carried out in the research greenhouse of Department of Horticultural Sciences, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, with a longitude of 49 degrees and 36 minutes east and latitude 37 degrees and 16 minutes north with a height of 7 meters from the level of the open sea in February 2021. Overall, 35 cucumber inbred lines, available in the Germplasm Bank, University of Guilan, were selected and on completely randomized design, in three separate rows, and with three replications. A code was assigned to each of the lines in order to facilitate the naming of lines and easier evaluation. In the winter of 2019, the desired genotypes were first planted in the seedling tray and kept there until the second true leaves were observed. Then they were transferred to the greenhouse in the form of a completely randomized design with 27 lines of inbred cucumbers, in three separate rows with 3 replications and 3 observations. The length of the plant breeding period continued until the economic fruiting of the plant. During the growing season, various traits were checked and recorded according to the national guidelines for tests of differentiation, uniformity and stability in cucumber prepared by the Research Institute of Registration and Certification of Seeds and Seedlings. These traits are the Fruit diameter (mm), Fruit length (mm), Fruit number, Weight of single fruit (g), Total fruit weight (g), Number of female flowers in 15

https://doi.org/10.22067/jhs.2023.79997.1214

nodes, Number of female flowers per node, Width of the end of the terminal leaf(cm), Length of the end of the terminal leaf(cm), Number of lateral branches in 15 nodes, Length of 15 internodes (cm).

Results and Discussion

Genetic diversity in plant genotypes is essential for a successful breeding program. Understanding the degree of variability in plant species is of importance because it provides the basis for selection. The results of variance analysis show that there is a highly significant variation between the studied lines at the level of 1%. The significant difference observed between genotypes for all traits indicates the existence of inherent genetic variation among genotypes.

The evaluation results show that the average fruit weight trait varied from 1371.7 grams (L57) to 157.71 grams (L35) among the examined lines. Furthermore, genotype L57 (117.56 grams) had the highest statistical position in terms of single fruit weight. The results of the mean comparison table showed that L34 line had the highest fruit length values (161.84 mm) and L49 line had the highest fruit diameter values (39.83 mm). Moreover, L55 and L34 lines had the lowest values of fruit length (92.46 mm) and diameter (24.61 mm), respectively. The leaf area variable varied from 426.52 cm^2 (L57) to 204.24 cm^2 (L31) among the studied lines. The results of chlorophyll index traits investigation and total soluble solids showed that L51 line had the highest values in both traits.

The results of statistical analyses pertaining to genotypic and phenotypic variance, as well as general heritability, revealed that the trait with the highest heritability, at 99.44%, was fruit weight. With the exception of five traits-length of 15 primary internodes, leaf surface, length and width of the terminal leaf, and single fruit weight-whose heritability values were 87.35%, 73.83%, 63.59%, 61.27%, and 26.23%, respectively, the heritability exceeded 90% for the remaining traits. These findings indicate that most of the traits examined exhibited high heritability, suggesting they were less influenced by environmental factors. Factor analysis, an essential multivariate technique, was employed to explore trait relationships and assess the genetic diversity among genotypes. The results of factor analysis for 27 evaluated cucumber genotypes show that eight factors were identified. They were 23.52, 12.63, 11.81, 9.95, 8.6, 7.34, 6.27, 4.21 percent. in total explained 88% of the total diversity of traits in the studied population. In total, they justified 88% diversity of total traits in the studied population. The results of the cluster analysis placed the studied genotypes in four different groups based on the mean of traits. To ensure the cut-point in the dendrogram and to determine the actual number of groups, the discrimination function analysis method was used. The results of discrimination function analysis showed that the success of cluster analysis in grouping genotypes was 100%. Since the genotypes in each of the clusters have a greater genetic affinity with the genotypes in the same cluster and, conversely, a greater genetic distance with the genotypes in different clusters, hybridization can be done among the genotypes in different clusters according to the value of traits average for each cluster for more productivity of phenomena such as heterosis and transgressive segregation. On this basis, it seems that it is possible to produce hybrids that are superior to their parents in terms of various traits by hybridization between the genotypes in the first and second clusters with the genotypes in the third and fourth clusters.

Conclusion

According to the results obtained from this study, L57 and L54 genotypes had higher values than the rest of the genotypes in terms of fruit number and total fruit weight. Also, according to the results of cluster analysis, L57 line had higher total mean values in traits of total fruit weight, single fruit weight, diameter of the tail of the fruit, fruit, kernel diameter, fresh and dry weight of leaves and leaf area. In this study, the genotypes of the second and third groups in the fruit number trait, and the genotypes of the first and third groups in the fruit weight trait, due to having the maximum difference, were found suitable for use in crosses in order to create more diversity. In general, the results of this research showed that there was a suitable diversity among the studied lines in terms of all measured traits. In addition to the fact that the results obtained from this research can be used in future breeding programs, the results of multivariate statistical methods also show solutions for the scientific crossing of genotypes in future research. So that the genotypes placed in different groups in cluster analysis (Group 1: L57, Group 2: L54, L52, L47, L32, L49, and L27, Group 3: L43 and L35, Group 4: L59, L53, L51, L34, L26, L55, L25, L39, L31, L30, L33, L28, L29, L36, L24, L44, L22, and L20) and had superior characteristics in terms of different components, can be crossed together to create recombinant genotypes.

Keywords: Chlorophyll index, Genetic variance, General heritability, Heterosis, Parthenocarpy

نشریه علوم باغبانی
https://jhs.um.ac.ir

مقاله پژوهشی
جلد ۳۷، شماره ٤، زمستان ١٤٠٢، ص. ۱۰۱۱-۹۹۷

بررسی تنوع لاین‌های اصلاحی خیار از طریق تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای

علی میرحسینی [۱]- معظم حسن‌پور اصیل [۲*]- جمالعلی الفتی [۳]- محمدباقر فرهنگی [۴]

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۹/۲۰
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۳/۲۸

چکیده

یکی از کلیدی‌ترین نکات در برنامه‌های به‌نژادی، استفاده از تنوع ژنتیکی موجود در یک گونه معین است. به‌منظور مطالعه تنوع ژنتیکی و گروه‌بندی برخی از لاین‌های گیاه خیار، تعداد ۲۷ لاین از این گیاه برای ۲۱ صفت مورفولوژیکی با استفاده از روش تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای ارزیابی شدند. این آزمایش در قالب طرح کاملا تصادفی، در سه ردیف جداگانه و با سه تکرار در دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان انجام شد. نتایج تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های خیار از نظر تمامی صفات مورد مطالعه وجود داشت. نتایج مقایسه میانگین نیز نشان داد که بعضی از لاین‌ها از لحاظ عملکرد و سایر صفات مهم نسبت به سایر لاین‌ها برتری داشتند. تمام صفات بررسی شده به جز صفات طول ۱۵ میانگره ابتدایی (۸۷ درصد)، طول و عرض لوب انتهایی (۶۳ و ۶۱ درصد)، سطح برگ (۷۳ درصد) و وزن تک میوه (۲۶ درصد) از وراثت‌پذیری عمومی بالایی (۹۰ درصد) برخوردار بودند. تجزیه خوشه‌ای بر مبنای میانگین داده‌ها، لاین‌های مورد مطالعه را در چهار گروه قرار داد. نتایج تجزیه به عامل‌ها، ۸ عامل را معرفی نمود که حدود ۸۸ درصد از تغییرات کل را توجیه کردند، که سهم هر کدام از عامل‌ها به‌ترتیب ۲۳/۵۲، ۱۲/۶۳، ۱۱/۸۱، ۹/۹۵، ۸/۶، ۷/۳۴، ۶/۲۷ و ۴/۲۱ درصد بود. به‌طور کلی، نتایج نشان داد که لاین‌های L57 و L54 در صفت‌های وزن کل میوه و تعداد میوه می‌توانند از جمله لاین‌های امیدبخش مناسب کاشت در شرایط گلخانه‌ای معرفی شوند. اطلاعات به‌دست آمده از این مطالعه می‌تواند برای معرفی رقم و یا تولید هیبرید در برنامه‌های به‌نژادی بعدی مورد استفاده قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: پارتنوکارپی، شاخص کلروفیل، واریانس ژنتیکی، وراثت‌پذیری عمومی، هتروزیس

مقدمه

خیار (*Cucumis sativus* L.) گیاهی یک‌ساله و از خانواده کدوئیان (Cucurbitaceae) می‌باشد که این خانواده دارای ۹۰ جنس و ۷۵۰ گونه است (Ullah *et al.*, 2012). منشأ خیار هند و جنوب آسیا است و این گیاه یکی از قدیمی‌ترین محصولات کشاورزی جهان است که تقریباً در تمام مناطق گرمسیری و نیمه‌گرمسیری کشت می‌شود (Papadopoulos, 1994). ایران با سطح زیرکشت ۹۳۰۲۸ هکتار و میزان تولید ۱۸۹۱۷۰۸ تن خیار، دارای عملکرد ۲۰۳۳۴۸ تن در هکتار است و از نظر تولید، سومین کشور تولیدکننده خیار در جهان به شمار می‌رود (FAO, 2020). استفاده از ژنوتیپ‌های محلی و یا ذخایر بومی اصلاح نشده برای تولید، منجر به بازده بسیار پایین خیار در برخی کشورهای دنیا شده است (Eneobong, 2001).

اهداف کلی اصلاح خیار مقاومت در برابر بیماری‌ها و آفات، افزایش کیفیت و عملکرد میوه است. علاوه بر این، اهداف اصلاحی مانند پارتنوکارپی، ثبات در تولید گل ماده، جوانه‌زنی و میوه‌گیری در دماهای پایین‌تر از بهینه ممکن است در برنامه‌های به‌نژادی اهمیت ویژه‌ای داشته باشند. با در نظر گرفتن سابقه کشت و کار این محصول در ایران و با توجه به سطح زیر کشت وسیع خیار در کشور، تحقیقات به‌نژادی کمی روی این محصول انجام شده است و سالانه بذر مورد نیاز کشور از طریق واردات تامین می‌شود. بنابراین، تحقیقات عملی و کاربردی در

۱، ۲ و ۳- به‌ترتیب دانشجوی دکتری، استاد و دانشیار، گروه علوم باغبانی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران
(*- نویسنده مسئول: (Email: hassanpurm@guilan.ac.ir
۴- استادیار، گروه علوم خاک، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

https://doi.org/10.22067/jhs.2023.79997.1214

مورد بەنژادی گیاه خیار امری ضروری بەنظر می‌رسد. ویژگی‌های مورفولوژیکی در بین گونەهای گیاهی و حتی در بین ارقام مختلف یک گونه گیاهی نیز، متفاوت هستند. این موضوع نشان‌دهنده آن است که گیاهان مکانیسم‌های متفاوتی در مواجهه با شرایط مختلف دارند (Wehner & Lower, 1996). یکی از کلیدی‌ترین نکات در برنامه‌های بەنژادی استفاده از تنوع ژنتیکی موجود در یک گونه معین است که بەدلیل تعداد ژنوتیپ زیاد در گونه‌ها این امر کار بسیار دشواری است. بەعبارت دیگر، نخستین گام و اساسی‌ترین موضوع در برنامه‌های بەنژادی استفاده از تنوع ژنتیکی موجود و حفاظت از این تنوع برای اجرای هرچه بهتر برنامه‌های بەنژادی است. از این رو، داشتن اطلاعات کامل از میزان تنوع ژنتیکی می‌تواند به بهنژادگر در مدیریت و بهره‌برداری مؤثر منابع ژنتیکی کمک کند (Afangideh *et al.*, 2005). اولین قدم کاربردی در شناسایی ژنوتیپ‌های مختلف یک گونه، شناسایی ویژگی‌های مورفولوژیکی آن‌ها است. تنوع مورفولوژیک، حاصل تنوع ژنتیکی یک گیاه در ارتباط با اثرات متقابل ژنتیک و شرایط محیطی است که گیاه در آن رشد می‌کند و این تنوع یک راهنما جهت مطالعه تنوع ژنتیکی است هرچند که بەطور مطلق نمی‌توان بر این موضوع پافشاری کرد (Fritsche-Neto & Borém, 2012). در همین راستا سی و شش رقم خیار بومی و غیر بومی برای صفاتی چون عملکرد، تعداد روز تا ظهور اولین گل ماده، نسبت گل ماده به گل نر، تعداد روزها تا اولین برداشت، دوره برداشت، ضخامت پوست، نسبت گوشت میوه به حفره بذر، مقدار کل مواد جامد محلول و وزن هزار دانه ارزیابی شدند و تفاوت معنی‌داری بین ارقام برای تمامی صفات مورد ارزیابی مشاهده شد (Kanwar *et al.*, 2003). در تحقیقی ژرم پلاسم خیار از نظر صفاتی چون زودرسی، عملکرد کل، تعداد و وزن میوه‌ها، درجه کیفیت میوه و تعداد روزها تا برداشت در آزمایشی در ایالات متحده ارزیابی و تفاوت معنی‌داری در تمامی صفات مورد مطالعه بین مواد ژرم پلاسم مشاهده شد (Shetty & Wehner, 2002).

موفقیت هر برنامه اصلاحی تا اندازه زیادی به تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت بستگی دارد (Subramanian & Subbaraman, 2010). آنالیز خوشه‌ای[1] ماهیت روابط بین برخی از نمونه‌ها را که توسط نوعی توصیف‌گر توصیف شده است برجسته می‌کند. این نوع آنالیز ژنوتیپ‌ها را براساس فاصله اقلیدسی به گروه‌های مختلف طبقه‌بندی و والدینی را انتخاب می‌کند که می‌توانند هیبریدهای برتر تولید کنند (Subramanian & Subbaraman, 2010). آنالیز تجزیه به عامل‌ها[2] معمولاً صفاتی را پیشنهاد می‌کند که به میزان متفاوتی به تنوع بین تیمارها کمک می‌کند. این آنالیز نشان می‌دهد که کدام صفت تنوع بیش‌تری را توضیح می‌دهد و در بین تیمارها متمایزترین است (Ene *et al.*, 2016). در همین راستا مرادی‌پور و همکاران تنوع ژنتیکی ۲۵ لاین خیار برای ۲۵ صفت مورفولوژیکی را با استفاده از روش تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای مورد ارزیابی قرار دادند. براساس نتایج بەدست آمده کل لاین‌ها در هفت گروه مجزا قرار گرفتند. نتایج حاکی از تنوع ژنتیکی زیاد بین لاین‌های مورد بررسی بود که از این تنوع جهت هتروزیس و انتخاب والدین مناسب در برنامه‌های تلاقی بەمنظور تولید ارقامی با صفات مطلوب می‌توان استفاده نمود (Moradipour *et al.*, 2018). در تحقیقی برای تعیین فاصله ژنتیکی، ۲۰ ژنوتیپ خیار مناسب برای فرآوری با منشاء جغرافیایی متفاوت از نظر صفات مورفولوژیکی متفاوت مانند عملکرد بوته، تعداد میوه در هر بوته، تعداد شاخه فرعی، ارتفاع گیاه، تعداد گره، فاصله میانگره‌ها، طول و پهنای برگ، قطر میوه و طول میوه مورد بررسی قرار گرفتند. نتایج نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مختلف از نظر صفات مورفولوژیکی وجود دارد. همچنین براساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها در چهار گروه دسته‌بندی شدند (Golabadi *et al.*, 2015). در پژوهشی دیگر ۹ لاین اینبرد خیار از نظر ۳۳ صفت کمی و کیفی با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به عامل‌ها مورد بررسی قرار گرفتند. نتایج این تحقیق حاکی از آن بود که بین لاین‌های مورد بررسی از نظر ژنوتیپی اختلاف معنی‌داری وجود دارد. همچنین لاین‌های مورد بررسی در سه گروه تقسیم‌بندی شدند (Zhang *et al.*, 2012). پاروانتنی و همکاران برای تعیین تنوع ژنتیکی بین ۱۳ ژنوتیپ خیار با منشأ جغرافیایی متفاوت ژنوتیپ‌ها را از نظر ۱۹ صفت مورفولوژیکی مانند عملکرد، تعداد میوه، تعداد گل نر در هر گره، زمان ظهور اولین گل، قطر میوه، طول میوه، تعداد شاخه‌های فرعی و طول بوته مورد بررسی قرار دادند. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر تمام صفات مورفولوژیکی اختلاف معنی‌داری باهم داشتند و بر اساس تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها در شش گروه قرار گرفتند (Parvathaneni *et al.*, 2011). در تحقیقی هشت توده بومی خیار ایران به همراه یک رقم هیبرید بەمنظور مطالعه تنوع ژنتیکی بین توده ها با استفاده از تجزیه خوشه ای و از نظر صفات عملکرد تک بوته، تعداد گل‌های بارده، نسبت گل‌های بارده به گل‌های نر در آغاز مرحله میوه‌دهی، تعداد میوه در تک بوته در هر برداشت و وزن میوه در هر بوته مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج حاکی از وجود تنوع ژنتیکی زیاد بین رقم شاهد و جمعیت توده‌های داخلی بود و بر اساس دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای رقم شاهد در یک گروه و سایر جمعیت‌ها در گروه دیگر قرار گرفتند (Keshavarz *et al.*, 2006). تنوع ژنتیکی برای ۱۵ صفت کمی در۳۱ رقم خیار (جمع‌آوری شده از مناطق مختلف هند) مطالعه شد. برای تمامی صفات اختلاف معنی داری بین ارقام مشاهده شد. تنوع ژنتیکی با توزیع جغرافیایی ارقام انطباقی نداشت. ارقام در ۱۶ گروه مختلف قرار گرفتند. بیشترین میزان عملکرد در بوته در گروه پنجم

1- Cluster analysis

2- Factor analysis

و بیشترین ضخامت گوشت میوه در گروه هفتم وجود داشت (Rao et al., 2003). تنوع ژنتیکی در نه ژرم پلاسم خیار با استفاده از تجزیه تابع تشخیص برای هشت صفت مورفولوژیکی تعیین شد. پنج ژرم پلاسم شدیداً لاین خویش آمیخته بودند در حالی‌که چهار ژنوتیپ دیگر جمعیت‌هایی از خیار را که برای پیشرفت‌های ژنتیکی قابل توجه بودند نشان می‌دادند. تمامی ژرم پلاسم‌ها تنوع معنی‌داری را باهم دیگر نشان دادند (Susic et al., 2000). بنابراین، مطالعه حاضر به‌منظور ارزیابی ۲۷ لاین خیار با استفاده از تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای به‌عنوان ابزاری برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و صفات مؤثرتر انجام شد.

جدول ۱- خصوصیات فیزیکی و شیمیایی خاک محل آزمایش

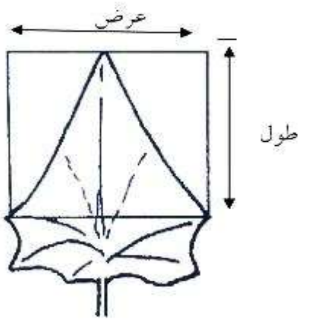
Table 1- Physical and chemical characteristics of the test site soil

بافت خاک Soil pattern	نیتروژن (٪) Nitrogen (%)	پتاسیم (٪) Potassium (%)	فسفر (٪) Phosphorus (%)	کربن (٪) Carbon (%)	کلسیم (٪) Calcium (%)	pH
شنی لومی loamy sand	1	0.5	0.17	1.2	0.48	7.4

مواد و روش‌ها

این پژوهش در گلخانه تحقیقاتی گروه علوم باغبانی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان با طول جغرافیایی ۴۹ درجه و ۳۶ دقیقه شرقی و عرض جغرافیایی ۳۷ درجه و ۱۶ دقیقه شمالی با ارتفاع ۷ متر از سطح دریای آزاد و سال‌های ۱۳۹۹و۱۴۰۰ انجام شد. آزمایش خاک پس از ارزیابی فیزیکی و شیمیایی در جدول ۱ آورده شده است. در مجموع ۲۷ لاین اینبرد خیار مناسب تازه‌خوری، از بانک ژرم پلاسم دانشگاه گیلان انتخاب و برای تسهیل در نام‌گذاری لاین‌ها و ارزیابی آسان‌تر به هر کدام از لاین‌ها یک کد اختصاص داده شد. لاین‌های اولیه از مرکز بین المللی سبزیجات (AVRDC[1]) تهیه شدند. در مرحله اول این لاین‌ها با هم تلاقی و از خودگشنی نتاج و انتخاب بین آنها لاین‌های نوترکیب ایجاد شدند. سپس این لاین‌های نوترکیب با هیبرید تجاری ناگین تلاقی و با انتخاب و خودگشنی نتاج حاصله لاین‌های نوترکیب جدیدی تولید شدند.

ژنوتیپ‌های مورد نظر در زمستان سال ۱۳۹۹ ابتدا در سینی نشا کشت و تا زمان مشاهده برگ‌های دوم حقیقی در سینی نشا نگهداری شدند. سپس در قالب طرح کاملا تصادفی با ۲۷ لاین اینبرد خیار، در سه ردیف جداگانه با ۳ تکرار و ۳ مشاهده به گلخانه انتقال داده شدند. طول دوره پرورش گیاه تا زمان باردهی اقتصادی بوته ادامه یافت. برای اندازه‌گیری عملکرد لاین‌ها در هر تیمار از روش چند برداشت[2] استفاده گردید. بدین منظور پس از مشاهده اولین میوه‌های بازارپسند، برداشت آغاز و در فاصله زمانی هر سه روز یکبار، شش برداشت از لاین‌ها صورت گرفت (Wehner & Lower, 1996). در طی فصل رشد صفات مختلف، طبق شیوه‌نامه ملی آزمون‌های تمایز، یکنواختی و پایداری در خیار تهیه شده توسط موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال بررسی و ثبت شدند (Anonymous, 2012). این صفات عبارت‌اند از طول ۱۵ میان‌گره، تعداد شاخه جانبی، طول و عرض لوب انتهایی برگ[3] (شکل ۱) ، تعداد گل‌های ماده در هر گره، تعداد گل‌های ماده در ۱۵ گره ابتدایی، وزن کل میوه، وزن تک میوه، تعداد میوه، طول میوه، قطر میوه، طول دم میوه، قطر دم میوه، قطر مغز میوه، کل مواد جامد محلول، وزن تر برگ، وزن خشک برگ، سطح برگ و شاخص کلروفیل برگ.



شکل ۱- طول و عرض لوب انتهایی برگ

Figure 1- The length and width of the terminal lobe of the leaf

صفت‌های وزن کل میوه و وزن تک میوه در مرحله بازار پسندی و همچنین بر حسب واحد گرم در بوته اندازه‌گیری شدند (UPOV., 2017). صفت طول ۱۵ میان‌گره ابتدایی گیاه بر حسب سانتی‌متر در هفته آخر دوره رشد اندازه‌گیری شد (Gwanama et al., 1998). صفت سطح برگ بر حسب سانتی‌متر مربع و همچنین صفت‌های طول و عرض لوب انتهایی برحسب سانتی‌متر از گره پانزدهم به بالا از برگ های کامل با استفاده از روش غیرتخریبی محاسبه شدند (Blanco & Folegatti, 2003). برای مقایسه وزن تر و خشک برگ، برگ هر گیاه خیار در انتهای مرحله‌ی رشد جدا گردید و بلافاصله نمونه‌ها با ترازوی

1- Asian Vegetable Research and Development Center
2- Multiple harvest
3- Terminal lobe of the leaf

دیجیتال و با دقت ۰/۰۰۱ گرم وزن شدند، سپس برای اندازه‌گیری وزن خشک، برگ گیاهان در آون با دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۴ ساعت قرار گرفت. پس از خشک شدن نمونه‌ها تا رسیدن به وزن ثابت، مجددا با ترازو اندازه‌گیری شدند (Hejaze *et al.*, 2004). صفت‌های طول میوه، قطر میوه، طول دم میوه، قطر دم میوه و قطر مغز میوه (سه تکرار در هر گیاه) در مرحله بازارپسندی با استفاده از کولیس دیجیتال با دقت ۰/۰۱ اندازه‌گیری شدند (Abbasi *et al.*, 2020). اندازه‌گیری صفت شاخص کلروفیل با استفاده از دستگاه کلروفیل‌متر (SPAD 502, Minolta, Japan) به‌صورت میانگین از سه نقطه برگ انجام شد. میزان کل مواد جامد محلول میوه‌ها به‌وسیله دستگاه رفرکتومتر دیجیتالی (Euromex RD 635, Holland) در دمای ۲۲ درجه سانتی‌گراد اندازه‌گیری و بصورت درجه بریکس گزارش شد.

اجزاء واریانس از طریق امید ریاضی محاسبه شد. همچنین تجزیه واریانس فنوتیپ‌ها به اجزاء تشکیل دهنده خود طبق فرمول زیر (رابطه ۱) محاسبه گردید. با استفاده از جدول تجزیه واریانس و امید ریاضی، واریانس ژنوتیپی و فنوتیپی برای هر صفت برآورد گردید، همچنین با استفاده از واریانس‌های فنوتیپی و ژنوتیپی، وراثت‌پذیری عمومی نیز با استفاده از فرمول زیر (رابطه ۲) محاسبه شد (Snedecor & Cochran, 1991).

$$\sigma^2ph = \sigma^2g + (\sigma^2e/r) \quad (۱)$$

$$H_{\sigma}^2 = (\sigma^2g / \sigma^2ph) \times 100 \quad (۲)$$

برای انجام تجزیه به عامل‌ها از نرم‌افزار SPSS استفاده شد. همچنین تجزیه خوشه‌ای به روش میانگین فاصله بین گروه‌ها (UPGMA) و حداقل واریانس Ward با استفاده از نرم‌افزار SAS انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج جداول تجزیه واریانس (جدول ۲) نشان داد که اثرات ژنوتیپ بر صفات ۱۵ میان‌گره ابتدایی، تعداد شاخه جانبی در ۱۵ گره ابتدایی، طول لوب انتهایی، عرض لوب انتهایی، تعداد گل‌های ماده در هر گره، تعداد گل‌های ماده در ۱۵ گره ابتدایی، وزن کل میوه، وزن تک میوه، تعداد میوه، طول میوه، قطر میوه، نسبت طول به قطر میوه، طول دم میوه، قطر دم میوه، قطر مغز میوه، نسبت قطر مغز به قطر میوه، کل مواد جامد محلول، وزن تر برگ، وزن خشک برگ، سطح برگ و شاخص کلروفیل در سطح یک درصد معنی‌دار بود. همچنین نتایج نشان می‌دهد تنوع بسیار معنی‌داری بین لاین‌های مورد بررسی در سطح یک درصد وجود دارد. تفاوت معنی‌دار مشاهده شده بین ژنوتیپ‌ها برای همه صفات، وجود تنوع ژنتیکی ذاتی را در بین ژنوتیپ‌ها نشان می‌دهد. افنگیده و اویو (Afangideh & Uyoh, 2007) وجود تنوع ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌های خیار را گزارش کردند. همچنین برای سایر محصولات همین خانواده مانند ژنوتیپ‌های هندوانه ابوجهل و کدوتنبل با توجه به تعداد شاخه در بوته، طول تاک در بوته، تعداد میوه در بوته و عملکرد بوته گزارش شده است (Olaniyi *et al.*, 2011; Aruah *et al.*, 2012). تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌های گیاهی برای یک برنامه اصلاحی موفق ضروری است. درک میزان تغییرپذیری در گونه‌های گیاهی بسیار مهم است زیرا پایه و اساس انتخاب را فراهم می‌کند (Idahosa *et al.*, 2010; Ndukauba *et al.*, 2015).

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس برخی صفات مورد مطالعه در ۲۷ لاین خیار

Table 2- The result of ANOVA of some studied traits in 27 cucumber lines

منابع تغییرات Source of variations	درجه آزادی Degree of freedom	میانگین مربعات Mean squares طول ۱۵ میان گره Length of 15 internodes	تعداد شاخه جانبی در ۱۵ گره Number of lateral branches in 15 nodes	طول لوب انتهایی Length of the end of the leaf blade	عرض لوب انتهایی Width of the end of the leaf blade	تعداد گل‌های ماده در هر گره Number of female flowers per node
تیمار Treatment	26	346.165**	25.961**	6.515**	21.717**	9.949**
خطای آزمایش Test Error	162	43.77	2.363	2/372	8.409	0.729
خطا نمونه‌برداری Sampling Error	54	119.76	1.274	5.256	12.380	0.70
ضریب تغییرات CV (%)	-	14.40	26.88	11.60	13.58	28.98

** نشان‌دهنده‌ی معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد می‌باشد.

**: Significant at 1% of probability level

ادامه جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس تنوع ژنوتیپی ۲۷ لاین خیار روی برخی صفات مورد مطالعه

Table 2 continued - The result of ANOVA of genotypic diversity of 27 cucumber lines on some studied traits

منابع تغییرات Source of variations	درجه آزادی Degree of freedom	میانگین مربعات Mean squares					
		تعداد گل ماده در ۱۵ گره Number of female flowers in 15 nodes	وزن کل میوه Total fruit weight	تعداد میوه Fruit number	وزن تک میوه Single fruit Weight	طول میوه Fruit length	قطر میوه Fruit diameter
تیمار Treatment	26	276.81**	497166.89**	42.61**	1540.81**	9048.22**	441.29**
خطای آزمایش Test Error	162	17.429	2735.86	0.241	1945.05	275.99	21.96
خطای نمونه‌برداری Sampling Error	54	20.18	193.6	0.182	2.28	449.53	16.23
ضریب تغییرات CV (%)	-	18.46	9.66	13.03	3.49	12.68	14.64

** نشان دهنده‌ی معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد می‌باشد.

**: Significant at 1% probability level

ادامه جدول۲- نتایج تجزیه واریانس برخی صفات مورد مطالعه در ۲۷ لاین خیار

Table 2 continued - The result of ANOVA of some studied traits in 27 cucumber lines

منابع تغییرات Source of variations	درجه آزادی Degree of freedom	میانگین مربعات Mean squares				
		نسبت طول به قطر Length to diameter ratio	طول دم میوه Length the fruit peduncle	قطر دم میوه Diameter of the fruit peduncle	قطر مغز Kernel diameter	نسبت قطر مغز به قطر میوه Kernel diameter to fruit diameter ratio
تیمار Treatment	26	7.204**	763.13**	9.583**	134.75**	0.079**
خطای آزمایش Test Error	162	0.307	20.55	0.657	6.47	0.004
خطا نمونه‌برداری Sampling Error	54	0.490	161.09	0.984	8.754	0.004
ضریب تغییرات CV (%)	-	13.88	17.76	18.66	14.08	12.10

** نشان دهنده‌ی معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد می‌باشد.

**: Significant at 1% probability level

نتایج مقایسه میانگین صفات مختلف در جدول ۳ آورده شده است. بر این اساس لاین‌های L53 و L35 بیش‌ترین طول ۱۵ میان‌گره (۵۹/۳۳ سانتی‌متر) و بیش‌ترین تعداد شاخه جانبی (۱۱ شاخه جانبی) و لاین‌های L59 و L54 به‌ترتیب کم‌ترین طول ۱۵ میان‌گره (۳۳/۲۳ سانتی‌متر) و کم‌ترین تعداد شاخه جانبی (۳ شاخه جانبی) را دارا بودند. همچنین لاین‌های L31 و L29 دارای بالاترین مقادیر طول و عرض لوب انتهایی برگ و لاین‌های L36 و L57 دارای کم‌ترین مقادیر طول و عرض لوب انتهایی بودند. لاین L43 دارای بیش‌ترین میانگین تعداد گل ماده در هر گره و تعداد گل ماده در ۱۵ گره اول بود. همچنین لاین‌های L59 و L28 دارای کم‌ترین میانگین تعداد گل در هر گره و تعداد گل در ۱۵ گره ابتدایی بودند. میانگین صفت وزن کل میوه در بین لاین‌های مورد بررسی از ۱۳۷۱/۷ گرم (L57) تا ۱۵۷/۷۱ گرم (L35) متغیر بود. همچنین از نظر وزن تک میوه، ژنوتیپ L57 (۱۷/۵۶ گرم) دارای بالاترین جایگاه آماری و ژنوتیپ L26 (۷۲/۵۵ گرم) دارای پایین‌ترین جایگاه آماری بود. در صفت تعداد میوه کمترین مقدار مربوط به لاین ۴۳ با تعداد ۱/۸۸ و بیشترین مقدار تعداد مربوط به لاین ۵۷ با مقدار ۸/۶۶ بود. نتایج جدول مقایسه میانگین نشان می‌دهد لاین L34 دارای بالاترین مقادیر طول میوه (۱۶۱/۸۴ میلی‌متر) و لاین L49 دارای بالاترین مقادیر قطر میوه (۳۹/۸۳ میلی‌متر) بودند.

ادامه جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس تنوع ژنوتیپی ۲۷ لاین خیار روی برخی صفات مورد مطالعه

Table 2 continued- The result of ANOVA of genotypic diversity of 27 cucumber lines on some studied traits

منابع تغییرات Source of variations	درجه آزادی Degree of freedom	میانگین مربعات Mean squares کل مواد جامد محلول Total soluble solids	وزن تر برگ Leaf fresh weight	وزن خشک برگ Leaf dry weight	سطح برگ Leaf area	شاخص کلروفیل SPAD
تیمار Treatment	26	3.340**	22.019**	0.408**	19168.44**	91.052**
خطای آزمایش Test Error	162	0.089	1.712	0.014	5014.9	7.506
خطا نمونه‌برداری Sampling Error	54	0.113	6.176	0.019	8904.01	4.52
ضریب تغییرات CV (%)	–	8.73	14/52	10.99	22/92	8.81

** نشان دهنده‌ی معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد می‌باشد.

**: Significant at 1% level of probability

جدول ۳- مقایسه میانگین برخی صفات مورد مطالعه در ۲۷ لاین خیار

Table 3- The mean comparisons of some studied traits in 27 cucumber lines

لاین Line	طول ۱۵ میان‌گره Length of 15 internodes (cm)	تعداد شاخه جانبی در ۱۵ گره Number of lateral branches in 15 nodes	طول لوب انتهایی Length of the end of the terminal leaf (cm)	عرض لوب انتهایی Width of the end of the terminal leaf (cm)	تعداد گل‌های ماده در هر گره Number of female flowers per node	تعداد گل ماده در ۱۵ گره Number of female flowers in 15 nodes	وزن کل میوه Total fruit weight (g)	وزن تک میوه Weight of single fruit (g)	تعداد میوه Fruit number	طول میوه Fruit length (mm)	قطر میوه Fruit diameter (mm)
L21	44.44^{b-g}	5.77^{efg}	13.30^{abc}	23.51^{a}	3.11^{d-j}	19.11^{i-l}	427.67^{l}	77.11^{m}	5.55^{g-i}	154.82^{ab}	33.62^{b-e}
L22	52.72^{abc}	8.22^{bc}	13.71^{abc}	22.70^{ab}	4.00^{cd}	24.33^{e-h}	415.78l^{m}	96^{gh}	4.44^{j-i}	121.50^{fgh}	34.15^{bcd}
L24	40.72^{c-g}	6.11^{ef}	13.77^{abc}	21.27^{ab}	1.66^{k-n}	20.11^{h-k}	331.65^{n}	90.44^{ij}	3.66^{i-n}	148.80^{a-d}	33.63^{b-e}
L25	45.79^{b-f}	6.33^{de}	13.31^{abc}	20.51^{abc}	5.22^{ab}	23.83^{e-i}	590.52^{ef}	110.26^{de}	5.33^{g-i}	120.63^{gh}	34.15^{bcd}
L26	44.16^{b-g}	5.55^{e-i}	13.31^{abc}	22.53^{ab}	2.77^{e-j}	19.00^{ijkl}	529.89^{gh}	72.55^{n}	7.44^{cd}	154.86^{ab}	33.99^{b-e}
L27	50.33^{a-e}	10.44^{a}	12.64^{abc}	20.64^{abc}	3.33^{d-h}	21.88^{f-j}	679.88^{d}	113.6^{cb}	5.88^{f-h}	123.74^{e-h}	34.45^{bcd}
L28	43.27^{b-g}	5.22^{f-j}	12.25^{bc}	20.56^{abc}	1.55^{lmn}	13.44^{m}	447.94^{j-l}	95.713^{gh}	4.44^{j-i}	154.29^{ab}	33.23^{cde}
L29	43.41^{b-g}	4.77^{g-j}	14.15^{abc}	23.83^{a}	2.22^{j-n}	20.66^{g-k}	369.29^{mn}	94.85^{gh}	3.77^{i-n}	162.258^{a}	32.99^{cde}
L30	41.72^{b-g}	4.33^{i-l}	12.33^{bc}	19.73^{abc}	2.33^{i-m}	20.00^{h-l}	431.12^{kl}	107.9^{e}	3.88^{i-n}	136.75^{b-g}	32.80^{cde}
L31	41.33^{b-g}	6.33^{de}	15.16^{a}	22.60^{ab}	00.33^{e-j}	20.33^{g-k}	379.58^{m}	88.66^{jk}	4.33^{k-m}	155.343^{ab}	34.45^{bcd}
L32	52.41^{abc}	7.44^{cd}	13.94^{abc}	22.90^{ab}	3.11^{d-j}	20.33^{g-k}	724.16^{cd}	109.78^{de}	6.55^{ef}	105.82^{hi}	27.22^{fg}
L33	45.05^{b-g}	4.66^{g-j}	14.50^{ab}	23.03^{ab}	1.44^{mn}	17.22^{j-m}	450.69^{j-l}	112.67^{cd}	4.00^{k-n}	146.92^{a-e}	31.26^{def}
L34	37.11^{fg}	4.55^{g-k}	14.42^{abc}	22.60^{ab}	2.55^{g-k}	16.44^{klm}	527.25^{gh}	93.2^{hi}	5.77^{f-h}	161.840^{a}	24.61^{g}
L35	50.33^{a-e}	11.5^{e-j}	12.32^{bc}	20.32^{abc}	3.22^{d-i}	19.77^{h-l}	157.71^{p}	95.02^{gh}	1.77^{o}	139.31^{a-g}	31.14^{def}
L36	41.11^{c-g}	3.38^{kl}	11.78^{c}	20.37^{abc}	2.44^{h-l}	15.11^{lm}	375.3^{mn}	101.77^{f}	3.77^{i-n}	154.89^{ab}	27.39^{fg}
L39	53.86^{ab}	8.19^{bc}	13.16^{abc}	20.44^{abc}	3.72^{cde}	24.19^{e-h}	395.71^{j-l}	74.01^{kl}	5.22^{h-j}	107.20^{hi}	30.26^{def}
L43	48.68^{a-f}	4.55^{g-k}	13.30^{abc}	22.91^{ab}	5.77^{a}	37.00^{a}	203.27^{o}	101.36^{f}	1.88^{o}	127.88^{d-h}	38.20^{ab}
L44	46.11^{b-f}	6.22^{e}	13.51^{abc}	20.80^{abc}	3.44^{d-g}	22.00^{d-g}	477.61^{i-k}	112.77^{cd}	4.33^{k-m}	144.80^{a-f}	29.48^{ef}
L47	51.05^{a-e}	4.88^{f-j}	12.16^{bc}	20.47^{abc}	4.44^{bc}	26.44^{c-f}	757.02^{c}	97.76^{g}	7.88^{bc}	116.49^{gh}	36.02^{abc}
L49	43/27^{b-g}	4.44^{h-k}	12.60^{abc}	20.56^{abc}	2.77^{e-j}	30.11^{bc}	704.61^{d}	84.31^{l}	8.22^{bc}	127.62^{d-h}	39.83^{a}
L51	52.22^{a-d}	5.55^{f}	13.27^{abc}	21.05^{ab}	3.55^{def}	21.11^{f-k}	495.34^{h-j}	114.46^{abc}	4.4^{j-i}	128.91^{c-h}	35.96^{abc}
L52	53.77^{ab}	4.22^{jkl}	13.46^{abc}	20.63^{abc}	2.44^{h-l}	33.88^{ab}	766.04^{c}	91.41^{ij}	8.22^{bc}	109.72^{hi}	36.47^{abc}
L53	59.33^{a}	4.77^{g-j}	13.44^{abc}	21.51^{ab}	2.66^{f-j}	18.00^{j-m}	521.67^{g-i}	77.64^{m}	6.77^{de}	149.10^{a-d}	33.88^{b-e}
L54	38.57^{efg}	3.22^{l}	14.07^{abc}	23.20^{ab}	2.88^{e-j}	27.55^{cde}	875.86^{b}	116.44^{ab}	7.44^{cd}	128.79^{c-h}	34.76^{bcd}
L55	39.66^{d-g}	8.66^{b}	12.33^{bc}	20.03^{abc}	1.66^{k-n}	29./22^{cd}	619.34^{e}	115.83^{abc}	5.44^{g-i}	92.46^{i}	30.84^{def}
L57	53.00^{abc}	5.66^{e-h}	12.06^{bc}	16.86^{c}	3.00^{e-j}	25.22^{d-g}	1371.7^{a}	117.56^{a}	8.66^{a}	139.92^{a-g}	36.38^{abc}
L59	33.23^{g}	4.00^{gkl}	14.33^{abc}	22.53^{ab}	1.33^{n}	18.33^{jkl}	554.8^{gf}	104.12^{f}	5.22^{h-j}	152.0^{abc}	33.64^{b-e}

میانگین‌های دارای حروف مشترک در هر صفت، در سطح احتمال ۱ درصد آزمون LSD تفاوت معنی‌دار ندارند.

For each trait means with the same letters are not significantly different at 1% of probability level using LSD test.

ادامه جدول ۳- مقایسه میانگین برخی صفات مورد مطالعه در ۲۷ لاین خیار

Table 3 continued - The mean comparisons of some studied traits in 27 cucumber lines

لاین Line	نسبت طول به قطر میوه Fruit length to diameter ratio	طول دم میوه Length of the fruit peduncle (mm)	قطر دم میوه Diameter of the fruit peduncle (mm)	قطر مغز Kernel diameter (mm)	نسبت قطر مغز به قطر میوه Kernel diameter to fruit diameter ratio	وزن تر برگ Leaf fresh weight (g)	وزن خشک برگ Leaf dry weight (g)	سطح برگ Leaf area (cm^2)	شاخص کلروفیل SPAD	کل مواد جامد محلول Total soluble solids (Brix°)
L21	4.62^{bcd}	27.56^{b-f}	4.83^{cde}	17.17^{c-g}	0.510^{fg}	7.71^{c-f}	1.006^{ijk}	327.04^{a-d}	30.31^{d-h}	3.56^{a-e}
L22	3.853^{g-j}	46.07^{a}	4.10^{c-f}	20.75^{ab}	0.604^{cd}	10.95^{ab}	1.396^{abc}	339.66^{a-d}	32.54^{bcd}	3.683^{a-d}
L24	4.44^{b-f}	26.29^{c-f}	4.30^{c-f}	18.83^{b-f}	0.559^{c-g}	7.71^{c-f}	0.931^{ijk}	320.32^{bcd}	30.9^{c-g}	3.40^{b-e}
L25	3.54^{g-j}	28.61^{b-f}	4.30^{c-f}	19.14^{b-e}	0.558^{c-g}	7.19^{ef}	1.058^{f-i}	297.45^{b-e}	32.85^{bcd}	3.59^{a-e}
L26	4.59^{b-e}	29.2^{b-f}	4.37^{c-f}	20.70^{ab}	0.610^{c}	8.13^{b-f}	0.986^{h-k}	327.24^{a-d}	28.43^{hi}	3.77^{ab}
L27	3.62^{g-j}	25.69^{def}	4.03^{def}	19.75^{a-d}	0.576^{c-g}	8.59^{b-e}	1.006^{h-k}	267.12^{cde}	31.71^{b-f}	3.41^{b-e}
L28	4.71^{bc}	33.18^{a-d}	4.50^{c-f}	18.67^{b-f}	0.565^{c-g}	5.60^{f}	0.748^{l}	286.76^{b-e}	33.08^{bc}	3.46^{a-e}
L29	4.90^{abc}	18.94^{d-g}	5.04^{bcd}	18.67^{b-f}	0.56^{c-g}	10.55^{abc}	1.314^{bcd}	372.76^{abc}	30.72^{c-h}	3.26^{e}
L30	4.20^{c-g}	40.35^{abc}	3.78^{ef}	18.80^{b-f}	0.576^{c-g}	7.30^{def}	1.058^{f-i}	262.4^{de}	27.06^{i}	3.32^{de}
L31	4.20^{b-f}	41.75^{ab}	4.10^{def}	19.03^{b-e}	0.548^{c-g}	8.28^{b-f}	0.863^{kl}	204.24^{e}	32.8^{bc}	3.73^{abc}
L32	3.88^{d-h}	19.67^{d-g}	4.05^{def}	16.19^{efg}	0.594^{cde}	10.55^{abc}	1.418^{abc}	332.91^{a-d}	31.53^{b-f}	3.35^{cde}
L33	4.65^{bcd}	27.13^{c-f}	4.06^{def}	18/35^{b-f}	0.588^{cdef}	7.76^{c-f}	0.933^{ijk}	284.69^{b-e}	33.75^{b}	3.58^{a-e}
L34	5.49^{a}	25.69^{def}	4.25^{c-f}	18.70^{b-f}	0.730^{b}	8.90^{a-e}	0.974^{ijk}	351.25^{a-d}	30.91^{c-g}	3.80^{a}
L35	4.59^{b-e}	19.85^{d-g}	4.74^{cde}	16.47^{d-g}	0.526^{d-g}	9.20^{a-e}	0.875^{jkl}	268.78^{cde}	26.95^{i}	3.701^{a-d}
L36	5.06^{ab}	28.27^{b-f}	4.07^{def}	15.56^{fg}	0.502^{g}	6.60^{ef}	0.738^{l}	302.93^{b-e}	32.34^{b-e}	3.46^{a-e}
L39	3.55^{g-j}	30.09^{b-e}	3.52^{f}	15.59^{fg}	0.515^{efg}	11.56^{a}	1.179^{def}	262.87^{de}	29.86^{fgh}	3.77^{ab}
L43	3.35^{hij}	21.17^{d-g}	4.87^{cde}	19.54^{a-e}	0.509^{fg}	10.85^{ab}	1.16^{efg}	367.93^{a-d}	29.32^{fgh}	3.46^{a-e}
L44	4.98^{abc}	29.19^{b-f}	4.04^{def}	15.07^{g}	0.510^{fg}	10.13^{abcd}	1.008^{h-k}	388.002^{ab}	31.17^{c-g}	3.31^{de}
L47	3.23^{hij}	27.78^{b-f}	4.84^{cde}	19.40^{a-e}	0.538^{c-g}	10.38^{abc}	1.412^{abc}	317.97^{bcd}	32.53^{bcd}	3.65^{a-d}
L49	3.21^{hij}	24.89^{def}	3.86^{ef}	22.66^{a}	0.569^{c-g}	7.69^{c-f}	0.911^{ijk}	263.63^{cde}	30.37^{d-h}	3./33de
L51	3.59^{g-j}	24.06^{def}	4.36^{cdef}	20.15^{abc}	0.561^{c-g}	10.791^{ab}	1.134^{f-i}	303.01^{b-e}	39.84^{a}	3.81^{a}
L52	3.00^{j}	28.74^{b-f}	3.91^{def}	20.34^{abc}	0.558^{c-g}	7.747^{cdef}	0.992^{h-k}	293.62^{b-e}	22.76^{j}	2.93^{f}
L53	4.40^{b-f}	17.21^{efg}	6.99^{a}	18.80^{bcde}	0.554^{c-g}	8.93^{a-e}	1.02^{g-j}	272.45^{cde}	29.41^{fgh}	3.85^{a}
L54	3.75^{f-j}	24.31^{def}	4.55^{c-f}	17.99^{b-g}	0.514^{efg}	10.36^{abc}	1.29^{b-e}	336.4^{a-d}	30.86^{c-g}	3.54^{a-e}
L55	3.07^{ij}	14.98^{fg}	4.39^{c-f}	18.15^{b-g}	0.589^{c-f}	8.91^{a-e}	1.432^{ab}	275.15^{cde}	38.16^{a}	3.66^{a-d}
L57	3.84^{e-i}	24.86^{def}	5.23^{bc}	20.48^{abc}	0.562^{c-g}	10.85^{ab}	1.505^{a}	426.52^{a}	30.1^{e-h}	3.35^{cde}
L59	4.51^{b-f}	8.29^{gh}	5.98^{b}	20.28^{abc}	0.602^{cd}	10.51^{abc}	1.281^{cde}	292.67^{b-e}	26.00^{ghi}	3.40^{b-e}

میانگین‌های دارای حروف مشترک در هر صفت، در سطح احتمال ۱ درصد آزمون LSD تفاوت معنی‌دار ندارند.

For each trait means with the same letters are not significantly different at 1% of probability level using LSD test.

همچنین لاین‌های L55 و L34 به‌ترتیب دارای کم‌ترین مقادیر طول (۹۲/۴۶ میلی‌متر) و قطر (۲۴/۶۱ میلی‌متر) میوه بودند. در ادامه نیز لاین‌های L34 و L52 به‌ترتیب دارای بالاترین و کم‌ترین مقادیر نسبت طول به قطر میوه بودند. اختلاف ارقام در صفات طول میوه، قطر میوه و نسبت طول به قطر میوه می‌تواند ناشی از اختلاف ژنتیکی بین ارقام باشد. نتایج جدول مقایسه میانگین (جدول ۳) نشان داد که لاین‌های L22 و L53 دارای بیش‌ترین طول دم (۴۶/۰۷ میلی‌متر) و قطر دم میوه (۶/۹۹ میلی‌متر) و لاین‌های L55 و L39 دارای کم‌ترین مقادیر طول دم و قطر میوه خیار بودند. از نظر متغیر قطر مغز میوه، لاین L49 دارای بالاترین و لاین L44 دارای کم‌ترین مقادیر بودند. همچنین لاین‌های L34 و L36 به‌ترتیب دارای بالاترین و کم‌ترین مقادیر نسبت قطر مغز به قطر میوه بودند. نتایج جدول مقایسه میانگین (جدول ۳) نشان داد لاین‌های L39 و L57 دارای بالاترین جایگاه آماری و لاین‌های L28 و L36 دارای پایین‌ترین جایگاه آماری در متغیرهای وزن تر و خشک برگ بودند. متغیر سطح برگ در بین لاین‌های مورد بررسی از ۴۲۶/۵۲ سانتی‌متر مربع (L57) تا ۲۰۴/۲۴ سانتی‌متر مربع (L31) متغیر بود. نتایج بررسی صفات شاخص کلروفیل و کل مواد جامد محلول نشان داد که لاین L51 در هر دو صفت دارای بالاترین مقادیر بود.

تخمین اجزاء واریانس و وراثت‌پذیری عمومی

نتایج تجزیه و تحلیل‌های آماری در رابطه با واریانس ژنوتیپی، فنوتیپی و وراثت‌پذیری عمومی در جدول ۴ ارائه شده است. نتایج نشان داد که بیشترین مقدار وراثت‌پذیری با ۹۹/۴۴ درصد متعلق به صفت وزن کل میوه بود و به‌جز پنج صفت طول ۱۵ میان‌گره ابتدایی، سطح برگ، طول و عرض لوب انتهایی و وزن تک میوه که مقدار وراثت‌پذیری آن‌ها به‌ترتیب ۸۷/۳۵، ۷۳/۸۳، ۶۳/۵۹، ۶۱/۲۷، ۲۶/۲۳ درصد بود، برای بقیه صفات میزان وراثت‌پذیری بیش از ۹۰ درصد مشاهده شد. این نتایج نشان می‌دهد که بیشتر صفات مورد بررسی دارای توارث بالایی بودند و در نتیجه کمتر تحت تأثیر محیط قرار گرفتند. توارث پذیری بالای صفات در گیاه خیار توسط علی‌آبادی و همکاران (Aliabadi *et al.*, 2012)، کلوندی و همکاران (Kalvandi *et al.*, 2016) و کیانی

و همکاران (Kiani *et al.*, 2018) نیز گزارش شده است.

جدول ٤- وراثت پذیری صفات اندازه‌گیری شده در ۲۷ لاین خیار

Table 4- Heritability of the measured traits in 27 cucumber lines

صفات Traits	وراثت پذیری عمومی General heritability (%)	واریانس ژنوتیپی Genotypic variance	واریانس فنوتیپی Phenotypic variance	واریانس خطا Error variance
طول ۱۵ میان گره Length of 15 internodes	87.35	100.79	115.38	43.77
تعداد شاخه جانبی در ۱۵ گره Number of lateral branches in 15 nodes	90.89	7.86	8.65	2.36
طول لوب انتهایی Length of the end of the terminal leaf	63.59	1.38	2.17	2.37
عرض لوب انتهایی Width of the end of the terminal leaf	61.27	4.43	7.23	8.40
تعداد گل‌های ماده در هر گره Number of female flowers per node	92.67	3.07	3.31	0.72
تعداد گل ماده در ۱۵ گره Number of female flowers in 15 nodes	93.70	86.46	92.27	17.42
وزن کل میوه Total fruit weight	99.44	164810.34	165722.29	2735.86
وزن تک میوه Weight of single fruit	26.23	134.74	513.6	1945.05
تعداد میوه Fruit number	91.64	3.51	3.83	0.241
طول میوه Fruit length	96.94	2924.07	3016.07	275.99
قطر میوه Fruit diameter	95.02	139.77	147.09	21.96
نسبت طول به قطر Fruit length to diameter ratio	95.73	2.29	2.40	0.30
طول دم میوه Length of the fruit peduncle	97.30	247.52	254.37	20.55
قطر دم میوه Diameter of the fruit peduncle	93.11	2.96	3.17	0.65
قطر مغز Kernel diameter	95.19	42.76	44.91	6.47
نسبت قطر مغز به قطر میوه Kernel diameter to fruit diameter ratio	94.93	0.025	0.02	0.004
کل مواد جامد محلول Total soluble solids	97.33	1.08	1.11	0.08
وزن تر برگ Leaf fresh weight	92.22	6.76	7.33	1.71
وزن خشک برگ Leaf dry weight	96.56	0.13	0.13	0.01
سطح برگ Leaf area	73.83	4717.84	6389.48	5014.9
شاخص کلروفیل SPAD	91.75	27.84	30.35	7.50

تجزیه به عامل‌ها

تجزیه به عامل‌ها یک تکنیک چند متغیره مهم است که برای بررسی ارتباط بین صفات و اندازه‌گیری تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌ها استفاده می‌شود (Abdi & Williams, 2010). نتایج حاصل از تجزیه به عامل‌ها برای ۲۷ ژنوتیپ خیار ارزیابی شده در جدول ۵ ارائه شده است. همان‌طور که جدول تجزیه به عامل‌ها نشان می‌دهد، تعداد هشت عامل شناسایی شد که به‌ترتیب ۲۳/۵۲، ۱۲/۶۳، ۱۱/۸۱، ۹/۹۵، ۸/۶، ۷/۳۴، ۶/۲۷ و ۴/۲۱ درصد و در مجموع ۸۸ درصد از تنوع کل صفات را در جمعیت مورد مطالعه توجیه کردند. عامل اول دارای ضرایب منفی بزرگی برای صفات نسبت طول به قطر میوه و طول میوه بود. بنابراین، با توجه به این عامل می‌توان ژنوتیپ‌ها را بر اساس شکل میوه تفکیک کرد. عامل دوم، بالاترین ضرایب مثبت را برای صفاتی مانند سطح برگ و قطر دم میوه داشت، ولی برای طول دم میوه و تعداد شاخه جانبی در ۱۵ گره ابتدایی ضرایب منفی ضعیفی دیده شد. عامل سوم دارای بزرگ‌ترین ضرایب مثبت برای وزن تر برگ، وزن خشک برگ، شاخص کلروفیل و ضرایب کوچک منفی برای قطر میوه و قطر مغز میوه بود. در تبیین عامل چهارم، صفات طول و عرض لوب انتهایی برگ و وزن تک میوه مهم‌ترین نقش را ایفا نمودند. در عامل پنجم، صفات نسبت قطر مغز به قطر میوه و کل مواد جامد محلول مهم‌ترین نقش را ایفا نمودند. در عامل ششم، طول ۱۵ میانگره ابتدایی و در عامل هفتم، تعداد گل‌های ماده در هر گره و در عامل هشتم، وزن تک میوه مهم‌ترین نقش را داشتند. با توجه به اینکه در تجزیه به عامل‌ها، عامل‌ها مستقل و غیر همبسته هستند، بنابراین نقش مهمی در شناسایی جنبه‌های مختلف صفات و گزینش ارقام در برنامه‌های اصلاحی ایفا می‌کند (Rahimi *et al.*, 2009). در این راستا مرادی‌پور و همکاران نیز با ۱۲ عامل توصیف ۸۸ درصد از تنوع کل را گزارش دادند (Moradipour *et al.*, 2018).

جدول ۵- نتایج تجزیه به عامل‌ها در بررسی ۲۷ لاین خیار

Table 5– The result of factor analysis in the study of 27 cucumber lines

شماره عامل Factor number	درصد واریانس مربوطه Percentage of variance	درصد تجمعی واریانس Cumulative percentage of variance	وزن عامل Factor weight
1	23.52	23.52	4.94
2	12.63	36.15	2.65
3	11.81	47.96	2.47
4	9.95	57.92	2.09
5	8.6	66.52	1.8
6	7.34	73.86	1.54
7	6.27	80.13	1.31
8	4.21	885.27	1.07

تجزیه خوشه‌ای

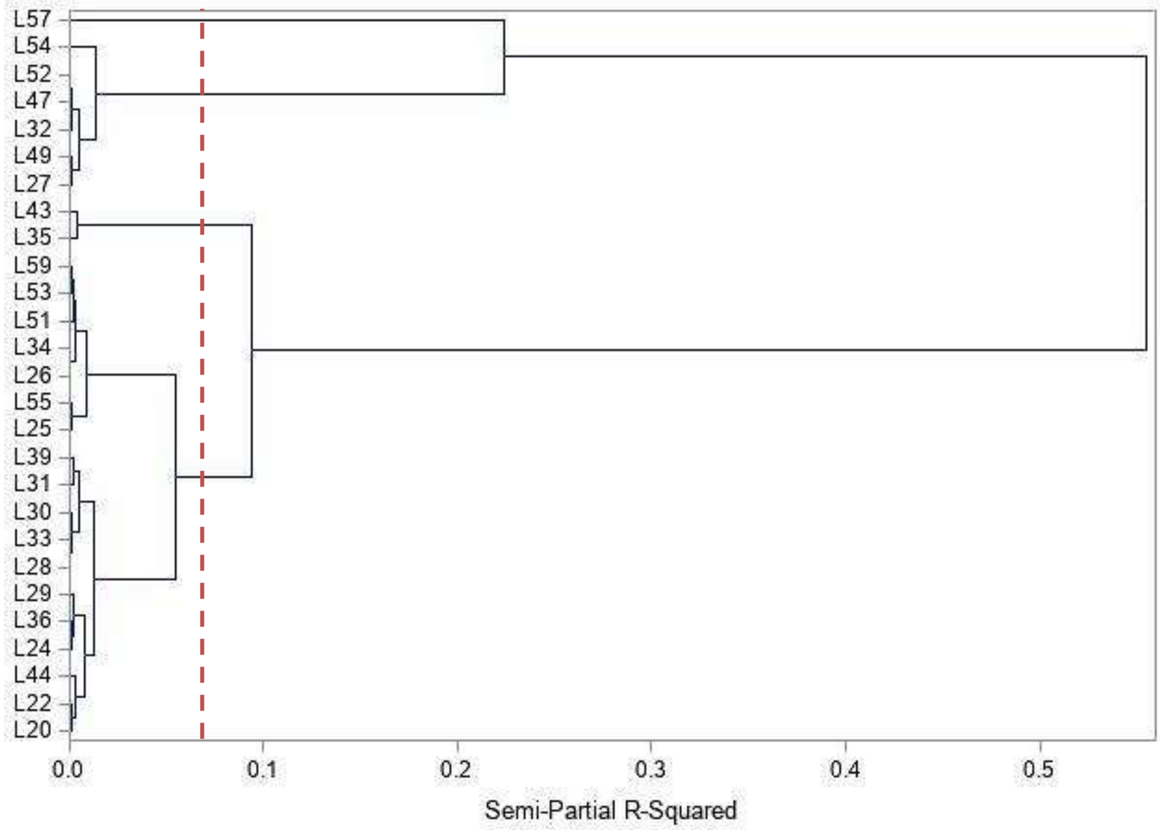
نتایج تجزیه خوشه‌ای بر مبنای میانگین صفات، ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در چهار گروه مختلف قرار داد (شکل ۲). برای حصول اطمینان از نقطه برش دندروگرام و تعیین تعداد واقعی گروه‌ها از روش تجزیه تابع تشخیص استفاده شد. نتایج تجزیه تشخیص نشان داد که موفقیت تجزیه خوشه‌ای در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها ۱۰۰ درصد بوده است. گروه اول شامل لاین L57 بود. گروه دوم شامل لاین‌های L54، L52، L47، L28، L32، L49 و L27 بود. درگروه سوم دو لاین L43 و L35 قرار گرفت. در گروه چهارم نیز به عنوان بزرگ‌ترین گروه لاین‌های L59، L53، L51، L34، L26، L55، L25، L39، L31، L30، L33، L28، L29، L36، L24، L44، L22 و L20 قرار گرفتند. از آن جایی که ژنوتیپ‌های موجود در هر یک از خوشه‌ها دارای قرابت ژنتیکی بیشتری با ژنوتیپ‌های موجود در همان خوشه و برعکس فاصله ژنتیکی بیشتری با ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های متفاوت هستند، بنابراین برای بهره‌وری بیشتر از پدیده‌هایی مانند هتروزیس و تفکیک متجاوز، می‌توان دورگ‌گیری را با توجه به ارزش میانگین صفات برای هر خوشه، بین ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های مختلف انجام داد (Afangideh *et al.*, 2005).

برای مشخص کردن اهمیت گروه‌ها از نظر صفات مورد بررسی، میانگین گروه‌ها برای هر کدام از صفات برآورد شد (جدول ۶). گروه اول از لحاظ صفات وزن کل میوه، وزن تک میوه، قطر دم میوه، قطر مغز میوه، وزن تر و خشک برگ و سطح برگ بالاتر میانگین کل بود. بنابر این با توجه به خصوصیات این گروه می‌توان برای افزایش عملکرد و کیفیت میوه از این گروه بهره گرفت. گروه دوم از لحاظ صفات تعداد شاخه جانبی در ۱۵ گره ابتدایی و تعداد میوه دارای میانگینی بالاتر از میانگین کل بود. گروه سوم درصفات تعداد گل‌های ماده در هر گره، تعداد گل ماده در ۱۵ گره ابتدایی و عرض لوب انتهایی برگ دارای بیشترین مقدار میانگین بود. صفات طول لوب انتهایی برگ، طول میوه، نسبت طول به قطر میوه، طول دم میوه و شاخص کلروفیل در گروه چهارم دارای بالاترین مقادیر میانگین بودند. عمر پس از برداشت میوه

خیار همبستگی مثبتی با طول و قطر دم میوه دارد (Afangideh *et al*., 2005). بنابر این با توجه به خصوصیات این گروه می‌توان برای افزایش عمر انباری از این گروه بهره گرفت. بنابراین با توجه به ارزش ژنوتیپ‌های دو گروه یک و دو در صفاتی همانند تعداد میوه و وزن کل میوه، این دو گروه میتوانند اهمیت ویژه‌ای در برنامه‌های اصلاحی داشته باشند.

نتیجه‌گیری

با توجه به نتایج به‌دست آمده از این مطالعه ژنوتیپ‌های L57 و L54 در صفات تعداد میوه و وزن کل میوه دارای مقادیر بالاتری از بقیه ژنوتیپ‌ها بودند. همچنین با توجه به نتایج تجزیه خوشه ای لاین L57 در صفات وزن کل میوه، وزن تک میوه، قطر دم میوه، قطر مغز میوه، وزن تر و خشک برگ و سطح برگ دارای بالاتر ین مقادیر میانگین کل بود. در این بررسی ژنوتیپ‌های گروه دوم و سوم در صفت تعداد میوه، و ژنوتیپ‌های گروه اول و سوم در صفت وزن میوه به‌دلیل دارا بودن حد اکثر اختلاف برای استفاده در تلاقی‌ها به منظور ایجاد تنوع بیشتر مناسب تشخیص داده شدند. به‌طور کلی نتایج این پژوهش نشان داد که تنوع مناسبی در بین لاین‌های مورد مطالعه از نظر همه صفات اندازه‌گیری شده وجود داشت. علاوه بر این‌که نتایج به‌دست آمده از این پژوهش را می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی آینده مورد استفاده قرار داد، نتایج روش‌های آماری چند متغیره نیز راه‌کارهایی برای تلاقی‌های هدفمند ژنوتیپ‌ها در پژوهش‌های آینده نشان داد. به‌طوری‌که ژنوتیپ‌هایی که در گروه‌های مختلف در تجزیه خوشه‌ای قرار گرفتند (گروه ۱:L57 ، گروه ۲: L54، L52، L47، L28، L32، L49 و L27 ، گروه ۳: L43 و L35، گروه ۴: L49،L59 ، L53، L51، L34، L26، L55، L25، L39، L31، L30، L33، L28، L29، L36، L24، L44، L22 و L20) و دارای ویژگی‌های برتر از نظر مؤلفه‌های متفاوت بودند را می‌توان برای ایجاد ژنوتیپ‌های نوترکیب با هم تلاقی داد.



شکل ۲– تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه خیار با استفاده از میانگین داده‌ها

Figure 2- Cluster analysis of the studied genotypes of cucumber using average data

جدول ٦- مقایسه میانگین گروه‌های تجزیه خوشه‌ای در صفات مختلف مورد بررسی خیار

Table 6- Comparison of the mean of cluster analysis groups in different traits of cucumber

گروه Cluster	شماره ژنوتیپ Genotype No	طول ۱۵ میان‌گره Length of 15 internodes (cm)	تعداد شاخه جانبی در ۱۵ گره Number of lateral branches in 15 nodes	طول لوب انتهایی Length of the end of the terminal leaf (cm)	عرض لوب انتهایی Width of the end of the terminal leaf (cm)	تعداد گل‌های ماده در هر گره Number of female flowers per node	تعداد گل ماده در ۱۵ گره Number of female flowers in 15 nodes	وزن کل میوه Total fruit weight (g)	وزن تک میوه Weight of single fruit (g)	تعداد میوه Fruit number	طول میوه Fruit length (mm)	قطر میوه Fruit diameter (mm)
1	L57	53	5.66	12.06	16.86	3	25.22	1371.7	117.56	5.22	139.93	36.38
2	L54, L52, L47, L32 L49, L27	48.2	5.77	13.15	21.4	3.16	26.7	751.26	102.21	7.37	118.7	34.79
3	L43, L35	49.51	4.83	12.81	21.61	4.5	28.38	180.49	98.19	1.83	133.59	34.67
4	L59, L53, L51, L34, L26, L55, L25, L39, L31, L30, L33, L28, L29, L36, L24, L44, L22, L20	44.71	5.70	13.45	21.65	2.7	20.13	463.39	96.66	4.88	141.52	32.27
میانگین کل Total mean		48.85	5.49	12.86	20.38	3.34	25.11	691.71	103.65	6.43	133.43	34.53

ادامه جدول ٦- مقایسه میانگین گروه‌های تجزیه خوشه‌ای در صفات مختلف مورد بررسی خیار

Table 6 continued- Comparison of the mean of cluster analysis groups in different traits of cucumber

گروه Cluster	شماره ژنوتیپ Genotype No	نسبت طول به قطر Length to diameter ratio	طول دم میوه Length of the fruit peduncle (mm)	قطر دم میوه Diameter of the fruit peduncle (mm)	قطر مغز Kernel diameter (mm)	نسبت قطر مغز به قطر میوه Kernel diameter to fruit diameter ratio	وزن تر برگ Leaf fresh weight (g)	وزن خشک برگ Leaf dry weight (g)	سطح برگ Leaf area (cm^2)	شاخص کلروفیل SPAD	کل مواد جامد محلول Total soluble solids (Brix°)
1	L57	3.84	24.86	5.23	20.48	0.56	10.85	1.5	426.52	30.01	3.35
2	L54, L52, L47, L32 L49, L27	3.45	25.18	4.21	19.39	0.55	9.22	1.17	301.94	29.96	3.37
3	L43, L35	3.97	20.51	4.81	18.01	0.51	10.02	1.01	318.35	28.13	3.58
4	L59, L53, L51, L34, L26, L55, L25, L39, L31, L30, L33, L28, L29, L36, L24, L44, L22, L20	4.35	27.61	4.50	18.47	0.56	8.75	1.05	303.93	31.82	3.58
میانگین کل Total mean		3.90	24.54	4.69	19.08	0.55	9.71	1.18	337.68	30	3.47

سپاسگزاری

این تحقیق در قالب طرح پژوهشی شماره ۹۸۰۲۵۸۲۲ صندوق حمایت از پژوهشگران و فناوران کشور (بنیاد ملی علم ایران)، معاونت علمی و فناوری ریاست جمهوری انجام گرفت که بدین وسیله از حمایت های بنیاد، تشکر و قدردانی می‌گردد.

References

1. Abbasi, F., Khaleghi, A., & Khadivi, A. (2020). The effect of salicylic acid on physiological and morphological traits of cucumber (*Cucumis sativus* L. cv. Dream). *Gesunde Pflanzen*, *72*(2). https://doi.org/10.1007/s10343-019-00496-0
2. Abdi, H., & Williams., LJ (2010). Principal component analysis. *Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics*, *4*, 433-459.
3. Afangideh, U., & Uyoh, E.A. (2007). Genetic variability and correlation studies in some varieties of cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Jordan Journal of Agricultural Sciences*, *3*(4).
4. Afangideh, U., Uyoh, E.A., Ittah, M., & Uko, A.E. (2005). Morphological characterization of some cultivars of cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Journal of Sustainable Tropical Agricultural Research*, *14*, 13-18.
5. Aliabadi, E., Amiri, R., & Lotfi, M. (2012). Inheritance of traits affecting flavor in cucumber and introduction of the best index for flavor breeding. *Seed and Plant Improvement Journal*, *28*(1). (In Persian)
6. Anonymous. (2012). National guideline for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability of cucumber. *Seed and Plant Certification and Registration Institute*. (In Persian)
7. Aruah, B.C., Uguru, M.I., & Oyiga, B.C. (2012). Genetic variability and inter-relationship among some Nigerian pumpkin accessions (*Cucurbita* spp.). *International Journal of Plant Breeding*, *6*(1), 34-41.
8. Blanco, F.F., & Folegatti, M.V. (2003). A new method for estimating the leaf area index of cucumber and tomato plants. *Horticultura Brasileira*, *21*, 666-669.
9. Ene, C.O., Ogbonna, P.E., Agbo, C.U., & Chukwudi, U.P. (2016). Studies of phenotypic and genotypic variation in sixteen cucumber genotypes. *Chilean Journal of Agricultural Research*, *76*(3), 307-313. http://doi.org/10.4067/S0718-58392016000300007
10. Eneobong, H.N. (2001). *Eating right.* University of Calabar Press. Calabar, Nigeria. 161 p.
11. FAO. (2020). Agrostat database. Retrieved from: http://apps.fao.org/.
12. Fritsche-Neto, R., & Borém, A. (Eds.). (2012). *Plant breeding for abiotic stress tolerance*. Springer Science & Business Media.
13. Golabadi, M., Golkar, P., & Eghtedary, A. (2015). Combining ability analysis of fruit yield and morphological traits in greenhouse cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Canadian Journal of Plant Science*, *95*(2), 377-385. https://doi.org/10.4141/cjps2013-387
14. Gwanama, C., Mwala, M.S., & Nichterlein, K. (1998). Path analysis of fruit yield components of *Cucurbita moschata* Duch.
15. Hejaze, A., Shahroodi, M., & Forush, M. (2004). *The methods index on plant analysis*. Edition University of Tehran. 98, 20-27. (In Persian)
16. Idahosa, D.O., Alika, J.E., & Omoregie, A.U. (2010). Genetic variability, heritability and expected genetic advance as indices for yield and yield components selection in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). *Academia Arena*, *2*(5), 22-26.
17. Kalvandi, H., Olfati, J.A., Samizadeh Lahiji, H., & Vafaee, Y. (2016). Number of fruit heritability and response to selection in breeding population of cucumber. *Journal of Vegetables Sciences*, *4*(2), 13-20. (In Persian)
18. Kanwar, M.S., Korla, B.N., Sanjeev, K., & Kumar, S. (2003). Evaluation of 240 cucumber genotypes for yield and qualitative traits. *Himachal Journal of Agricultural Research*, *29*(2), 43-47.
19. Keshavarz, S., Bagheri, M., Jafari, P., & Ghanbari, A.A. (2006). Classification of genetic variation in Iran cucumber. *Seed and Plant Improvement Journal*, *29*(2), 227-241.
20. Kiani, M., Golabadi, M., & Eghtedari, A. (2018). Estimation of heritability and genetic control of important traits in greenhouse Cucumber inbred lines. *Seed and Plant Journal*, *34*(4), 447-469. (In Persian)
21. Moradipour, F., Olfati, J.A., Hamidoghli, Y., Sabouri, A., & Zahedi, B. (2018). Evaluation of genetic variation and determination of genetic distance in some cucumber lines by Principal component and cluster analysis. *Journal of Plant Productions*, *41*(1), 109-117. (In Persian)
22. Ndukauba, J., Nwofia, G.E., Okocha, P.I., & Ene-Obong, E.E. (2015). Variability in egusi-melon genotypes (*Citrullus lanatus* [Thumb] Matsum and Nakai) in derived savannah environment in South-Eastern Nigeria. *International Journal of Plant Research*, *5*(1), 19-26. http://doi.org/10.5923/j.plant.20150501.04
23. Olaniyi, O.O., Ogidi, G.O., Mbah, E.U., & Nya, E.J. (2011). Variance in yield and agronomic performance of egusi-melon (*Citrullus lanatus* [Thumb]) genotypes. *International Journal of Current Research*, *3*(11), 49-52.
24. Papadopoulos, A.P. (1994). *Growing greenhouse seedless cucumbers in soil and in soilless media*. Agriculture and

Agri-Food Canada.

25. Parvathaneni, R.K., Natesan, S., Devaraj, A.A., Muthuraja, R., Venkatachalam, R., Subramani, A.P., & Laxmanan, P. (2011). Fingerprinting in cucumber and melon (*Cucumis* spp.) genotypes using morphological and ISSR markers. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, *14*, 39-43. https://doi.org/10.1007/s12892-010-0080-1
26. Rahimi, M., Ramezani, M., & Rabiee, B. (2009). Identification of elite lines and hybrids of rice using factor analysis. (In Persian with English abstract)
27. Rao, E.S., Verma, V.K., & Munshi, A.D. (2003). Breeding potential of cucumber (*Cucumis sativus* L.) genotypes using D2 analysis. *Indian Journal of Horticulture*, *60*(1), 53-58.
28. Shetty, N.V., & Wehner, T.C. (2002). Screening the cucumber germplasm collection for fruit yield and quality. *Crop science*, *42*(6), 2174-2183. https://doi.org/10.2135/cropsci2002.2174
29. Snedecor, G.W., & Cochran, W.G. (1991). Statistical methods 8th edition. *The Iowa State University*.
30. Subramanian, A., & Subbaraman, N. (2010). Hierarchical cluster analysis of genetic diversity in Maize germplasm. *Electronic Journal of Plant Breeding*, *1*(4), 431-436.
31. Susic, Z., Jelovac, D., Stankovic, L., & Zdravkovic, J. (2000). *Canonical discriminant analysis of nine pickling cucumber (Cucumis sativus) accessions.* In VII Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding 510, 129-134. https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2000.510.21
32. Ullah, M.Z., Hasan, M.J., Chowdhury, A.Z.M.K.A., Saki, A.I., & Rahman, A.H.M.A. (2012). Genetic variability and correlation in exotic cucumber (*Cucumis sativus* L.) varieties. *Bangladesh Journal of Plant Breeding and Genetics*, *25*(1), 17-23. https://doi.org/10.3329/BJPBG.V25I1.17008
33. UPOV. (2017). Descriptors of cucumber. Instructions for how measure traits. Retrieved from: http://www.upov.int/en/publications/tgrom/tg155.
34. Wehner, T.C., & Lower, R.L. (1996). Once-over Harvest Yield of Cucumber Hybrids Made with a Determinate Parent. *Report-cucurbit genetics cooperative*, *19*, 17-20.
35. Zhang, C., Pratap, A.S., Natarajan, S., Pugalendhi, L., Kikuchi, S., Sassa, H., & Koba, T. (2012). Evaluation of morphological and molecular diversity among South Asian germplasms of *Cucumis sativus* and *Cucumis* melo. *International Scholarly Research Notices*, *2012*. https://doi.org/10.5402/2012/134134